

Descifrado el genoma de uno de los linfomas más agresivos

- El linfoma de células del manto es un cáncer de células sanguíneas muy agresivo y de difícil tratamiento
- El análisis del genoma tumoral de más de 30 pacientes permite identificar nuevas dianas terapéuticas

Oviedo, 21 de octubre de 2013. El linfoma de células del manto es un cáncer muy agresivo y de difícil tratamiento originado en células de la sangre y de los ganglios linfáticos. Para identificar las alteraciones moleculares responsables de este tumor y facilitar el desarrollo de nuevos tratamientos, un equipo de científicos liderados por los Dres. Xose S. Puente y Carlos López-Otín de la Universidad de Oviedo, y los Dres. Sílvia Beà y Elías Campo del IDIBAPS, Hospital Clínic, Universidad de Barcelona, han secuenciado el genoma de más de 30 de estos linfomas. El resultado de este trabajo, publicado hoy en la prestigiosa revista norteamericana *Proceedings of the National Academy of Sciences*, presenta el primer análisis genómico global de esta enfermedad. “Este estudio permite conocer mejor las causas y la evolución de esta compleja neoplasia y ha identificado dianas para nuevos tratamientos”, comenta la Dra. Sílvia Beà, primera firmante del estudio.

Los autores han analizado el genoma de las células tumorales al inicio de la enfermedad y al cabo de varios años después del tratamiento en el momento de la recaída de la misma. De esta manera, se ha podido valorar las modificaciones en el genoma relacionados con la evolución de la enfermedad. Estos análisis han permitido descubrir diversos genes implicados en la progresión de estos linfomas y en la generación de mecanismos de resistencia a la quimioterapia. Además, se ha definido un grupo de pacientes con una evolución muy rápida de la enfermedad que presentan mutaciones en los genes NOTCH1 y NOTCH2. Estas mutaciones pueden ser dianas terapéuticas porque ya existen fármacos que bloquean su actividad y podrían ser útiles en los casos más complicados de linfoma de células del manto. También se ha identificado un grupo de pacientes con un pequeño número de mutaciones en el tumor y cuya enfermedad evoluciona muy lentamente. De esta manera, el conocimiento del genoma de estos linfomas puede orientar en la selección de tratamientos más adecuados para cada paciente.

El presente trabajo se ha llevado a cabo gracias a la financiación de la Association for International Cancer Research (Reino Unido), la Lymphoma Research Foundation (EEUU) y el Instituto de Salud Carlos III (España), e ilustra cómo las nuevas tecnologías de secuenciación de genomas están revolucionando el estudio y el conocimiento de distintos tipos de cáncer. Así, durante los últimos tres años el Consorcio para el Estudio Genómico de la Leucemia Linfática Crónica, del cual también forman parte estos investigadores, ha secuenciado el genoma de cientos de pacientes con la leucemia más frecuente en nuestra sociedad, identificando nuevos mecanismos de progresión tumoral y nuevas dianas terapéuticas. Estos estudios han de permitir la aplicación de los estudios genómicos en la práctica clínica para mejorar el diagnóstico y tratamiento de los enfermos de cáncer.

Más información

Blanca Gutiérrez

Oficina de Comunicación de la Universidad de Oviedo

cei.blanca@uniovi.es

Teléfono: 985102924; 679862058

Nidia Fernández 646531573

Xavier Francàs (xfrancas@clinic.cat)

Àlex Argemí (alex.argemi@idibaps.org)

Área de Comunicación y RSC. IDIBAPS - Hospital Clínic de Barcelona

Teléfono: 93 2275700